

DetECCIÓN y caracterización molecular de SARS-CoV-2 en animales

NADIA ANALÍA FUENTEALBA

Laboratorio de Virología (LAVIR), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP); Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). La Plata, Buenos Aires, Argentina

nadiafuatealba@hotmail.com

El síndrome respiratorio agudo severo coronavirus 2 (SARS-CoV-2), que se originó en Wuhan, China, en 2019, es responsable de la pandemia de COVID-19 (*coronavirus disease 2019*). El SARS-CoV-2 tiene un origen incierto que ha generado muchas controversias; sin embargo, los análisis filogenéticos hacen suponer que se originó a partir de coronavirus de murciélago y aún se desconoce el animal que podría haber actuado como intermediario. La diversidad genética de los coronavirus, debida a la alta frecuencia de mutación y la recombinación homóloga, probablemente esté relacionada con la variedad de hospedadores. Esto hace que los coronavirus sean una preocupación en salud pública por la posibilidad de que se produzcan futuros brotes de enfermedades por «nuevos» coronavirus zoonóticos. Es por esto que resulta de interés poder identificar el papel que cumplen los animales y su posible intervención en la transmisión zoonótica. Se ha planteado la necesidad de realizar el monitoreo y control de esta virosis en animales domésticos y silvestres para determinar el posible rol de los animales como portadores, reservorios y/o amplificadores del virus. Los estudios para comprender mejor la susceptibilidad de diferentes especies animales al SARS-CoV-2 y evaluar la dinámica de la infección en estas especies, así como también la identificación de posibles reservorios y/o transmisores, son una herramienta fundamental para el monitoreo epidemiológico.

Varias especies de animales han demostrado susceptibilidad al virus, tanto a través de la infección experimental, como en entornos naturales al estar en contacto con humanos infectados. Se han reportado detecciones de infección en felinos, caninos, hurones y visones. Los objetivos del plan de trabajo que estamos llevando adelante involucran el diagnóstico y la vigilancia epidemiológica del SARS-CoV-2 en animales que conviven con personas infectadas, y la caracterización molecular, mediante secuenciación genómica, de las muestras positivas obtenidas. Además, se contempla el posterior análisis de las secuencias de SARS-CoV-2 obtenidas en animales de Argentina con los datos de secuencia que se encuentren disponibles en GISAID. Se diseñaron protocolos específicos para el relevamiento epidemiológico y la toma de muestras de animales pertenecientes a pacientes positivos COVID-19. Conjuntamente, se creó un consentimiento informado, aprobado por la Comisión Institucional para el Cuidado y Uso de Animales de Laboratorio (CICUAL) que es firmado por los responsables de los animales y del proyecto, acordando la toma de muestras. Se tomaron muestras de hisopados orofaríngeos y rectales de diferentes animales, tanto domésticos como silvestres. Se realizó la extracción del ARN de las muestras y el diagnóstico molecular por *real-time* RT-PCR adaptando equipos comerciales disponibles. De las muestras analizadas, 26 resultaron reactivas a los genes específicos de SARS-CoV-2, de las cuales 18 corresponden a caninos, 7 a gatos domésticos y una a un puma. Se obtuvo la secuencia genómica completa de SARS-CoV-2 correspondiente a un felino y se realizó el análisis filogenético. Se determinó que el genoma de SARS-CoV-2 del gato pertenecía al linaje B.1.499. Este linaje, inicialmente detectado en marzo de 2020, ha sido reportado en diferentes provincias del país, principalmente en la región del Área Metropolitana de Buenos Aires.

Palabras clave: SARS-CoV-2, COVID-19, animales.